

---

# Testi del Syllabus

---

Resp. Did.	<b>PALLAVICINI Alberto</b>	Matricola: <b>008042</b>
Docente	<b>GERDOL MARCO</b>	Matricola: <b>014720</b>
Anno offerta:	<b>2015/2016</b>	
Insegnamento:	<b>644SM - BIOINFORMATICA</b>	
Corso di studio:	<b>SM40 - SCIENZE E TECNOLOGIE PER L'AMBIENTE E LA NATURA</b>	
Anno regolamento:	<b>2014</b>	
CFU:	<b>6</b>	
Settore:	<b>BIO/18</b>	
Tipo Attività:	<b>D - A scelta dello studente</b>	
Anno corso:	<b>2</b>	
Periodo:	<b>Secondo Semestre</b>	
Sede:	<b>TRIESTE</b>	

---



## Testi in italiano

### Contenuti (Dipl.Sup.)

Introduzione alla Bioinformatica. Gestione ed analisi delle informazioni biologiche. Database campi e livelli di specializzazione. Information retrieval e interrogazioni complesse. Allineamento di sequenze di acidi nucleici e proteine. Allineamento dinamico ed euristico. Applicazioni principali di BLAST. Applicazioni speciali di BLAST. Allineamenti multipli (ClustalW). Allineamento di profili (PSI-BLAST). Pattern e motivi funzionali nel DNA. Pattern e motivi funzionali in proteine. Basi di analisi filogenetica.

### Testi di riferimento

Materiale del docente

Pascarella, Paiardini. Bioinformatica: dalla sequenza alla struttura delle proteine. Zanichelli (2011)  
Valle, Helmer-Citterich, Attimonelli, Pesole. Introduzione alla Bioinformatica. Zanichelli  
Lesk. Introduzione alla Bioinformatica. McGraw-Hill  
Krane, Raymer. Fondamenti di Bioinformatica. Pearson Mount D. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Second Edition. CSHL Press  
Baxevanis, Oullette. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley

### Obiettivi formativi

Acquisire le abilità per utilizzare in modo razionale ed efficiente i metodi bioinformatici e per interpretare correttamente i risultati. Meccanismi della trasmissione ereditaria e della ricombinazione genica, relazioni esistenti tra genotipo

### Prerequisiti

Genetica

### Metodi didattici

Lezione frontale coadiuvata da presentazioni ed esercitazioni.

---

<b>Altre informazioni</b>	Il materiale didattico verrà messo a disposizione sulla piattaforma moodle.
<b>Modalità di verifica dell'apprendimento</b>	Test a scelta multipla
<b>Programma esteso</b>	Background Topics: Why computational biology, biological information, challenges in computational biology. Sequence Alignment Topics: Introduction to biological sequences, DNA sequence, dynamic programming methods for global and local alignment, gap penalty functions, heuristics in alignment, BLAST, pairwise sequence alignment, multiple sequence alignment Phylogenetic Trees Topics: Distance, parsimony, and probabilistic methods of phylogenetic tree construction, models of sequence evolution



## Testi in inglese

<b>Contenuti (Dipl.Sup.)</b>	Broad overview of bioinformatics with a significant problem-solving component, including hands-on practice using computational tools to solve a variety of biological problems. Topics include: database searching, sequence alignment, gene prediction, RNA and protein structure prediction, construction of phylogenetic trees, comparative and functional genomics.
<b>Testi di riferimento</b>	Materials provided by the teacher  Pascarella, Paiardini. Bioinformatica: dalla sequenza alla struttura delle proteine. Zanichelli (2011) Valle, Helmer-Citterich, Attimonelli, Pesole. Introduzione alla Bioinformatica. Zanichelli Lesk. Introduzione alla Bioinformatica. McGraw-Hill Krane, Raymer. Fondamenti di Bioinformatica. Pearson Mount D. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Second Edition. CSHL Press Baxevanis, Oullette. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley
<b>Obiettivi formativi</b>	The objective is to help the students to reach rapidly the frontier of bioinformatics and be able to use the bioinformatics tools to solve the problems on their own research.
<b>Prerequisiti</b>	Genetics
<b>Metodi didattici</b>	Classroom teaching and practicals in Informatics room.
<b>Altre informazioni</b>	Material on moodle platform
<b>Modalità di verifica dell'apprendimento</b>	Multiple choice test
<b>Programma esteso</b>	Background Topics: Why computational biology, biological information, challenges in computational biology. Sequence Alignment Topics: Introduction to biological sequences, DNA sequence, dynamic programming methods for global and local alignment, gap penalty

functions, heuristics in alignment, BLAST, pairwise sequence alignment, multiple sequence alignment

Phylogenetic Trees

Topics: Distance, parsimony, and probabilistic methods of phylogenetic tree construction, models of sequence evolution